Genes, pueblos y lenguas

Luigi Luca Cavalli-Sforza

Enero de 1992

Los árboles genealógicos que relacionan pueblos y lenguas se superponen. Ambos remiten a corrientes migratorias. Las pruebas biológicas sitúan en Africa nuestro origen

Hace más de 40 años el laboratorio de Sir Ronald A. Fisher en la Universidad de Cambridge, donde yo había acudido para especializarme en genética bacteriana, estaba saturado de matemáticos teóricos. Se entiende, pues, que, en esa atmósfera, comenzara yo a darle vueltas a un proyecto tan ambicioso que rozaba la locura: reconstruir el origen de las poblaciones humanas y los caminos que éstas tomaron en su dispersión por el ancho mundo. El trabajo, pensé, podría abordarse midiendo el parentesco entre las poblaciones actuales y, conocido éste, crear el árbol genealógico de la humanidad.

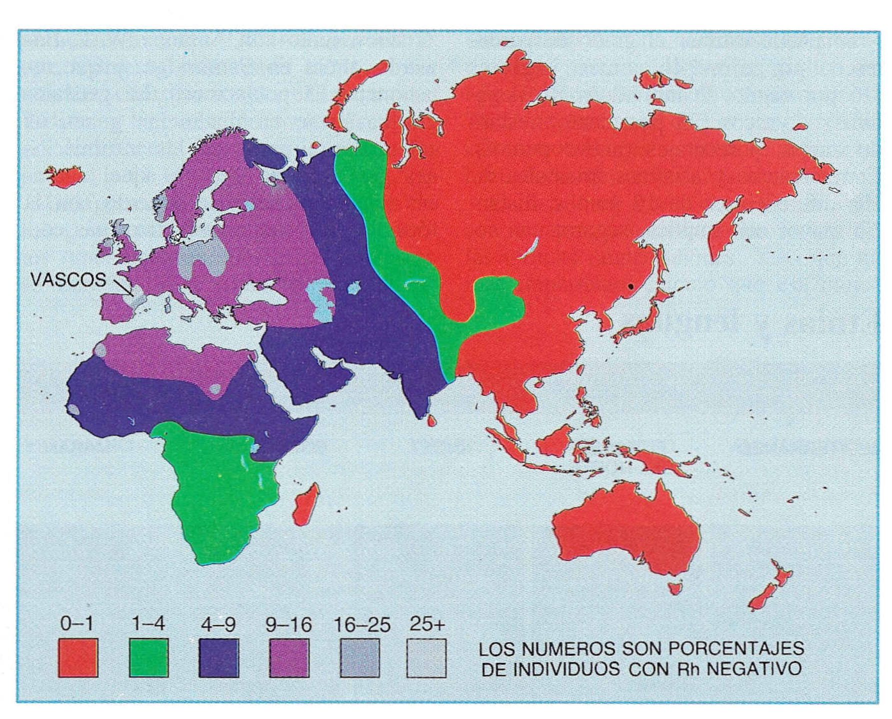
La utopía está a punto de convertirse en realidad. El análisis exhaustivo de datos genéticos recogidos en los últimos 50 años y de otros nuevos obtenidos con técnicas de desarrollo reciente nos ha permitido cartografiar la distribución mundial de cientos de genes. A partir de ese mapa hemos deducido los linajes de las poblaciones de todo el mundo. Nuestro árbol concuerda con otro, más pequeño, basado en datos genéticos de índole muy diferente. Además, nuestra reconstrucción guarda sorprendentes paralelismos con una reciente clasificación de las lenguas. Genes, pueblos y lenguas se han diversificado, pues, a la par, a lo largo de una serie de movimientos migratorios que, según todos los indicios, comenzaron en Africa y se propagaron, a través de Asia, por Europa, el Nuevo Mundo y el Pacífico.

La noción de árbol genealógico es decisiva para situar tales episodios en una secuencia cronológica. A igualdad de otros factores, cuanto mayor sea el tiempo transcurrido desde la separación de dos poblaciones tanto mayor será la diferencia genética entre las mismas. Este tipo de análisis puede aplicarse después a casos más complejos, que impliquen a tres o más poblaciones. (La diferencia genética equivale en ese contexto a la distancia genética.)

Solemos hablar de grupos étnicos o razas para designar las poblaciones humanas, aunque el uso pervertido del segundo término aconseja su omisión. No es fácil definir las poblaciones de una manera rigurosa y útil a la vez, porque los seres humanos se agrupan de forma desconcertante, con solapamientos en ocasiones y, siempre, cambiando. Las lenguas, sin embargo, nos prestan una pequeña ayuda.

Durante largo trecho de su historia, la especie humana se ha organizado en tribus o grupos de personas ligadas por lazos estrechos. La afiliación tribal continúa siendo de gran importancia en las sociedades tradicionales. Y no es raro comprobar, además, una correspondencia exacta entre lengua y tribu. Las lenguas constituyen, por tanto, un punto de referencia para las tribus; las afiliaciones tribales, cuando se conocen, ayudan a esbozar un guión clasificador de las poblaciones.

LUIGI LUCA CAVALLI-SFORZA enseña genética en la Universidad de Stanford desde 1971. Nació en Génova hace setenta años y se doctoró en medicina por la Universidad de Pavía en 1944. Estudió genética bacteriana en Italia y, desde 1948 a 1950, en el laboratorio de Sir Ronald A. Fisher, en la Universidad de Cambridge. Se cambió a la genética de poblaciones humanas en 1952. Desde entonces ha estudiado los fenómenos de consanguinidad, deriva genética y forma de predecirla mediante observaciones demográficas, las relaciones recíprocas entre evolución biológica y cultural, el significado cultural de nombres y apellidos, y la reconstrucción de la evolución humana. Ha dirigido trabajos de campo entre los pigmeos africanos y ha aplicado técnicas moleculares al análisis de genes y la persistencia en el tiempo de material genético procedente de poblaciones aborígenes.



1. MAPA GENETICO del factor Rh negativo. Se observa su alta frecuencia entre los vascos. Los datos sugieren que éstos han conservado los vestigios de una primitiva población europea que posteriormente se mezcló con otras procedentes de Asia.

En las sociedades metropolitanas la situación reviste mayor complejidad. Por eso hemos reducido los problemas prácticos centrando nuestros estudios en las poblaciones aborígenes, esto es, en las que ya ocupaban sus territorios actuales antes de que se produjeran las grandes oleadas migratorias que siguieron a los viajes de exploración en el Renacimiento. Las distancias entre esos grupos aborígenes no pueden calcularse por la mera presencia o ausencia de un simple carácter hereditario, o del gen que lo expresa, ya que todos los grupos portan prácticamente todos los genes humanos existentes. Lo que sí varía es la frecuencia con que los genes aparecen.

Tenemos un buen ejemplo de ello en el factor Rh, un antígeno sanguíneo humano que puede encontrarse en dos formas, positivo y negativo, y sobre el que se ha acumulado abundante información. El carácter, que se hereda de una manera sencilla, se ha estudiado en miles de poblaciones por razones de salud pública. Los médicos deben identificar a las mujeres Rh negativas embarazadas que porten fetos Rh positivos, para administrarles un tratamiento inmunológico inmediatamente después del parto. El tratamiento impide que el cuerpo de la mujer fabrique anticuerpos que atenten contra el fruto de un segundo embarazo. Los genes Rh negativos, frecuentes en Europa, escasean en Africa y Asia occidental y son prácticamente inexistentes en Asia oriental, así como entre las poblaciones aborígenes de América y Australia.

Se puede estimar el grado de parentesco, por ejemplo, entre ingleses (16 por ciento de individuos Rh negativos) y vascos (25 por ciento) restando ambos porcentajes (nueve puntos). Entre ingleses y asiáticos orientales dicha diferencia es de 16 puntos, distancia mayor que implica, seguro, una separación muy anterior. No hay, pues, nada esotérico encerrado en la noción de distancia genética.

En realidad, para que las distancias suministren la mayor cantidad de información posible sobre las historias evolutivas solemos recurrir a fórmulas ligeramente más complicadas que la pura resta. Si dentro de una misma población se aíslan de forma absoluta unos grupos de otros, acabarán por diferenciarse, aun cuando no se produjeran mutaciones ni contáramos con la selección natural. El azar favorece el cambio de sus respectivas frecuencias génicas en un proceso de deriva.

A igualdad de condiciones, la distancia genética aumenta simple y regularmente con el tiempo. Cuanto mayor sea el tiempo que dos poblaciones llevan separadas, tanto mayor será su distancia genética. Podríamos así imaginar la distancia a modo de reloj que marcara los hitos de la historia evolutiva. Pero las leyes de la estadística nos demuestran que no hemos de esperar que un simple gen como el del Rh proporcione una cronología exacta. Es fundamental utilizar promedios de muchos genes en el cálculo de las distancias genéticas; lo ideal sería contrastar conclusiones con diferentes conjuntos de genes. Para nuestra ventura se conocen ya miles de genes, aunque sólo unos pocos se han analizado en muchas poblaciones.

Son muchos los principios en que apoyarse para reconstruir árboles de distancias genéticas. Sírvanos de ejemplo el árbol que publiqué hace 27 años, junto con Anthony W. F. Edwards, ahora en Cambridge, y que relacionaba 15 poblaciones. La genealogía basábase en distancias genéticas calculadas a partir de las informaciones genéticas de que en aquel entonces disponíamos, y de acuerdo con la fórmula del "camino genético más corto", propuesta por Edwards. Se trataba de construir el árbol que tuviera la mínima longitud de ramificación. Cuando el árbol se proyecta sobre un mapamundi, con las ramas descansando sobre los asentamientos actuales de las poblaciones, el resultado viene a coincidir con las reconstrucciones antropológicas de las migraciones de la antigüedad.

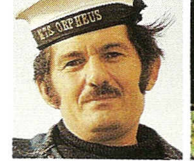
Pero carecemos de pruebas sólidas que reafirmen que el camino genético más corto sea la mejor forma de ajustar el árbol a los datos. Otros métodos dendrológicos podrían acertar más a la hora de relacionar la longitud de las ramas con el paso del tiempo y encontrar una fecha para la "raíz" del árbol. En los casos en que es posible, la raíz permite establecer una relación entre las poblaciones y un grupo distinto: por ejemplo, los chimpancés, que se dividieron de la línea que ha conducido al hombre hace unos 5 o 7 millones de años. Si admitimos una tasa constante de cambio evolutivo para todas las ramas, podemos equiparar sus longitudes con el tiempo transcurrido desde que se produce la divergencia. Pero también esos árboles enraizados pueden estar también sujetos a sesgos, si unas ramas han sufrido cambios evolutivos más rápidos que otras.

Las técnicas matemáticas de la genética de poblaciones reducen al mínimo los sesgos con predicciones correctas de las tasas evolutivas. El modelo evolutivo que utilizamos es el más simple. Predice que las ramas evolucionarán con idéntica celeridad, a condición de que la principal causa de cambio resida en la deriva y sea el mismo el tamaño de las poblaciones, como media. La primera condición la confirman observaciones de distinta fuente; la probabilidad de la segunda condición se refuerza con una juiciosa selección de las poblaciones. No es raro que las tasas de evolución sean

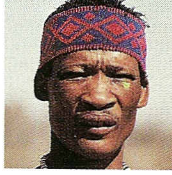
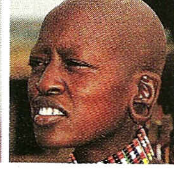
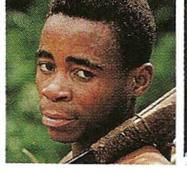
Etnias y lenguas

CAUCASOIDES — AFRICANOS — ASIATICOS CONTINENTALES

MEDITERRANEO — EUROPEO DEL NORTE — INDIO — BOSQUIMANO — MASAI — PIGMEO — CHINO — TIBETANO







FAMILIA DE LENGUAS INDOEUROPEAS — KHOISAN — NILOSAHARIANO — NIGERIANO-CONGOLEÑO — CHINO-TIBETANO

constantes si las poblaciones alcanzan ciertas dimensiones y han colonizado territorios que abarcan continentes durante un intervalo de tiempo que se prolonga hasta el asentamiento original.

Con mis colegas Paolo Menozzi y Alberto Piazza, de las universidades de Parma y Turín, respectivamente, diseñé un sistema analítico común para abordar la historia y geografía de los genes humanos. Dedicamos 12 años al estudio del cuerpo de datos genéticos que se había acumulado en los últimos 50 años: más de 100 caracteres hereditarios distintos procedentes de aproximadamente 3000 muestras, tomadas de 1800 poblaciones. La mayoría de las muestras incluían cientos o miles de individuos. Este conjunto de datos, nuestro conjunto clásico, deriva indirectamente de la proteínas expresadas por los genes.

Hemos trabajado, además, con un segundo conjunto enteramente nuevo: datos moleculares estudiados directamente a partir de las secuencias de ADN presentes en el núcleo celular. La mayoría de los datos moleculares que utilizamos se recogieron en un programa de investigación que duró siete años, en el que intervinieron mi laboratorio de la Universidad de Stanford y el equipo de Kenneth K. y Judith R. Kidd, del departamento de genética de la Universidad de Yale. Aunque estos datos son en muchos aspectos de superior calidad que los basados en los productos génicos, de momento sólo cubren una centésima parte de las poblaciones. No obstante, hasta donde se han comparado, los datos moleculares concuerdan muy bien con los clásicos.

Nuestros primeros resultados apoyan una conclusión que se extrae de los estudios de restos humanos físicos y culturales: el origen africano de nuestra especie. Hemos comprobado que las distancias genéticas entre africanos y no africanos es muy superior a la distancia que podamos inferir de cualquier otra comparación intercontinental. Y eso es lo que cabría esperar si la separación africana fuera la primera y más antigua en el árbol genalógico humano.

La distancia genética entre africanos y no africanos viene a doblar la distancia que media entre australianos y asiáticos; esta última separación dobla de lejos, a su vez, la distancia que existe entre europeos y asiáticos. Los tiempos de separación sugeridos por la paleoantropología guardan una relación muy similar: 100.000 años para la división entre africanos y asiáticos, unos 50.000 años para la separación entre asiáticos y australianos, y de 35.000 a 40.000 para la diversificación entre asiáticos y europeos. En estos casos, al menos, nuestras distancias se comportan como un reloj exacto.

Un reloj bastante distinto, aunque elegante, han creado quienes se han ocupado de investigar un tipo de datos genéticos de índole diferente de los nuestros. Nos llegaron sus descubrimientos más interesantes cuando nuestros análisis estaban a punto de cerrarse; pero, a pesar de la disparidad de origen, confirmaban nuestros hallazgos en todos los puntos esenciales. El estudio en cuestión se centra en los genes presentes en el ADN de las mitocondrias, orgánulos celulares que metabolizan energía. Nosotros, en Stanford, habíamos iniciado esa línea de trabajo, pero la metodología que desarrollaron Allan C. Wilson y sus colegas de la Universidad de California en Berkeley consiguió una resolución mayor. (Quiero aprovechar este momento para rendir tributo a las muchas contribuciones realizadas por Wilson a la evolución molecular. Murió de leucemia aguda en julio del año pasado, a la edad de 56 años.)

Los genes mitocondriales difieren de los genes del núcleo en varios aspectos fundamentales. Los genes nucleares se heredan, más o menos equitativamente, del padre y de la madre; los mitocondriales se transmiten a la descendencia a través, casi exclusivamente, de la madre. Este modo de herencia simple convierte a los genes mitocondriales en utillaje valioso para el cálculo de las distancias genéticas. Superan también a los genes nucleares en su tasa de mutación; esa cadencia más alta podría inducir a alterar en parte la determinación estadística de las distancias génicas, que no se calcularían de acuerdo con las frecuencias génicas sino basándose en las mutaciones de los propios genes.

El reloj mitocondrial se fundamenta en el número de mutaciones acumuladas, no en los cambios de las frecuencias génicas. Nuestra hipótesis pivotaba sobre la idea de una evolución, a ritmo constante, de las frecuencias génicas; Wilson y su grupo pedían lo mismo para los genes mitocondriales, pero centrándose en la tasa constante de mutación de éstos. Por la propia naturaleza de los datos, resulta más fácil ponerle raíz a un árbol mitocondrial que a otro nuclear. Basta cotejar el árbol que hemos creado con cualquier grupo externo —Wilson acudió a los chimpancés— cuya fecha o intervalo de fechas de separación sea conocida.

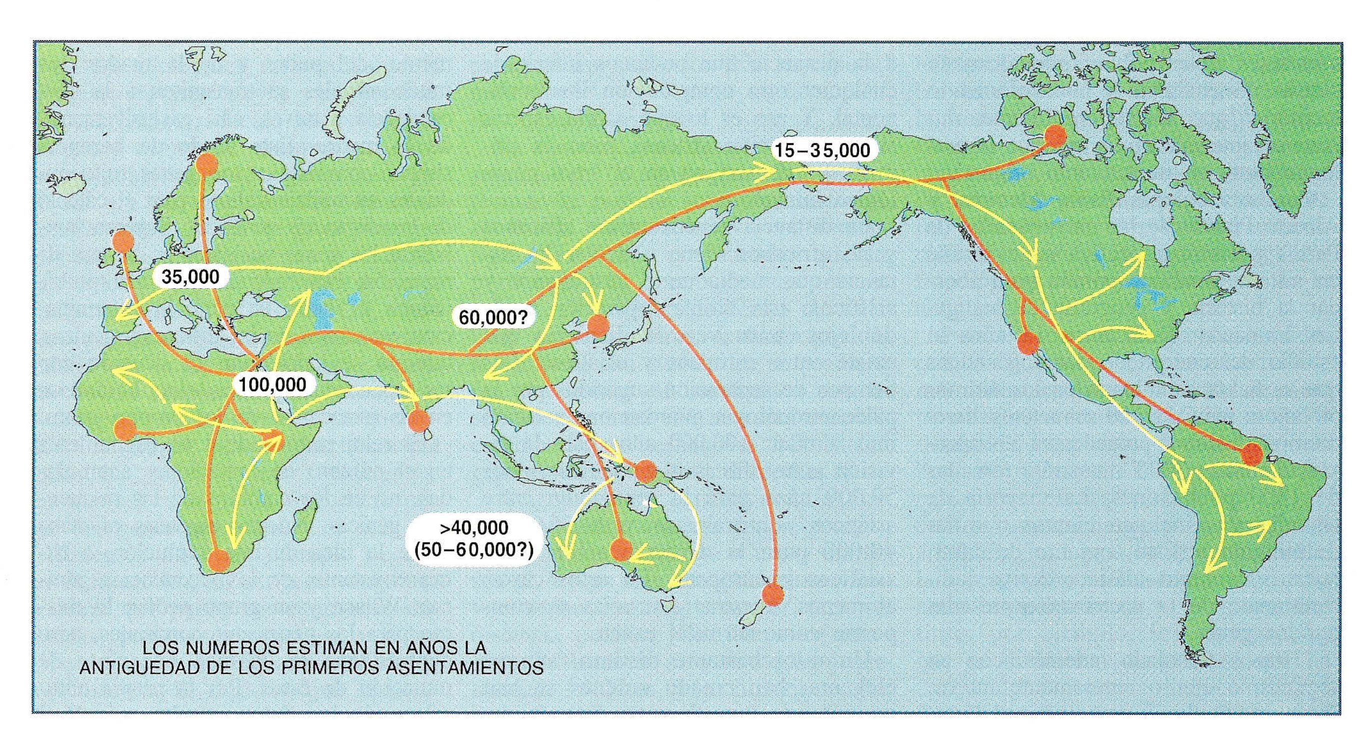
Con esas distancias, el grupo de Wilson construyó un árbol genealógico que revelaba más diferenciación en Africa que en cualquier otra parte. El descubrimiento indicaba que era en Africa donde el ADN humano mitocondrial había evolucionado durante un período de tiempo más largo, y que podía seguirse su pista hasta una sola mujer africana. Además, los investigadores pudieron fechar los puntos de ramificación del árbol comparando el ADN de humanos con el de chimpancés, cuyos linajes se sabe se separaron hace unos cinco millones de años.

Calibrado el árbol, el grupo de Wilson se aprestó a deducir las fechas de las últimas ramificaciones. Y lo que es más importante, calculó que esa mujer

ARTICOS AMERICANOS OCEANICOS

COREANO INUIT AZTECA YANOMANO POLINESIO MAORI MELANESIO AUSTRALIANO

COREANO ESQUIMO-ALEUTIANO AMERINDIO AUSTRONESIO INDO-OCEANICO AUSTRALIANO



2. GENES Y PIEDRAS nos relatan una historia muy parecida. El primer árbol genético (*rojo*) se ha proyectado sobre un mapa, con sus extremos situados sobre los asentamientos actuales (*puntos rojos*). Trabajos más recientes apuntan dos rutas migratorias de Africa a Asia (*amarillo*). No tenemos pruebas de los pormenores de las rutas. Las estimaciones arqueológicas sobre los primeros asentamientos aparecen reflejadas en la ruta.

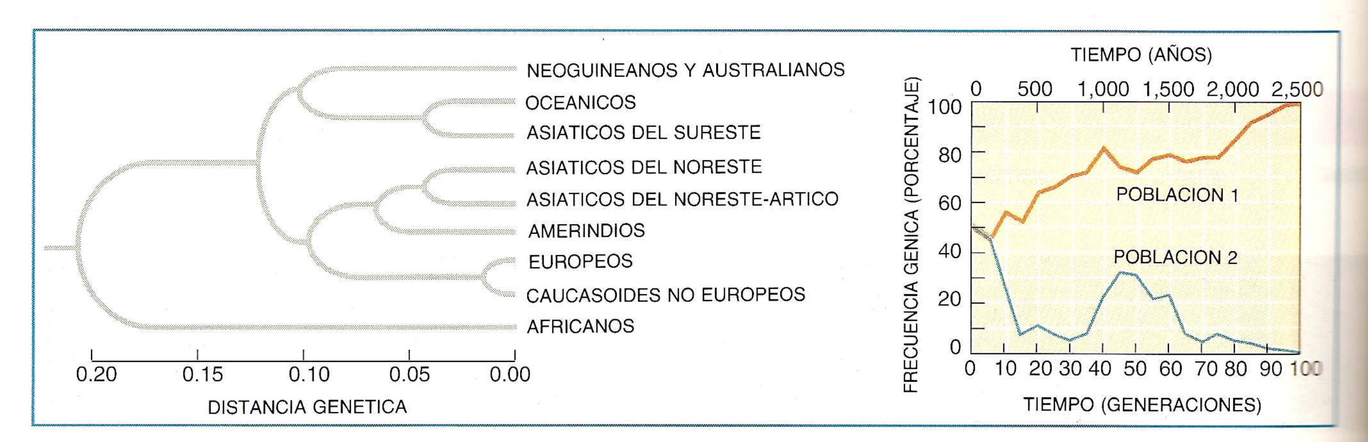
africana vivió hace unos 150.000 o 200.000 años. Se confirmaban así nuestras conclusiones por otra vía, completamente independiente.

El equipo de Wilson ha acercado luego algo más el tiempo estimado, aunque su mujer africana todavía es anterior a la fecha que nosotros asignamos para la separación entre las poblaciones asiáticas y africanas. De hecho, tiene que ser más antigua, ya que las dos fechas se refieren a acontecimientos distintos, el nacimiento de una mujer determinada y la bifurcación de una población a la que ella pertenecía. Los medios de comunicación confundieron la cuestión, dándole amplia difusión a esa mujer, con el nombre de "Eva". Sin embargo, no tenemos pruebas de que haya habido nunca un instante en que sólo hubiese una mujer viva sobre la tierra. Muchas otras mujeres pudieron vivir al mismo tiempo; sencillamente, se extinguieron sus linajes mitocondriales.

Algunas de estas conclusiones siguen levantando controversia. Aunque los paleoantropólogos aceptan que el género *Homo* apareció en Africa hace unos 2,5 millones de años y que las pruebas fósiles del anatómicamente moderno *H. sapiens* se datan en sólo hace unos 100.000 años, en Africa o aledaños, no todos aceptan la teoría "africana". Hay quien aboga por una mayor antigüedad y por muchas poblaciones del Viejo Mundo a la vez.

No nos hemos limitado a situar en Africa los primeros humanos modernos. También hemos recogido pruebas de oleadas migratorias. Esas claves y pautas de migración arrojan bastante luz sobre el origen de las poblaciones actuales. Un trabajo, por lo demás, que, cuando se le compare con los hallazgos de filólogos y arqueólogos, aumentará su valor y potencial informativo.

En general, los procesos migratorios reflejan cambios que obedecen a presiones y a nuevas posibilidades u oportunidades. Los humanos y sus homínidos antecesores registraron episodios de alta densidad poblacional y consiguiente expansión geográfica. Tales éxitos demográficos nacieron, en muchos casos, de cierto desarrollo cultural, que, en lo concerniente a la prehistoria, sólo podemos colegir de los



3. LA ACUMULACION DE CAMBIOS a lo largo del tiempo produce diferencias genéticas, como queda reflejado en este árbol genealógico de etnias (*izquierda*). La deriva, mecanismo de cambio, puede ser reproducida en el ordenador (*derecha*). Cuando una población se separa en dos mitades, sus frecuencias génicas son similares, pero con el tiempo y el azar pueden evolucionar en direcciones opuestas.

restos arqueológicos. Esos testimonios —huesos e instrumentos líticos en su mayoría— corroboran la tesis africana del asentamiento original de los homínidos. Desde ese núcleo irradiaron hacia Asia vía el istmo de Suez y, posteriormente, pasaron de Asia a Europa. En esas regiones hubo enclaves homínidos hace quizás un millón de años.

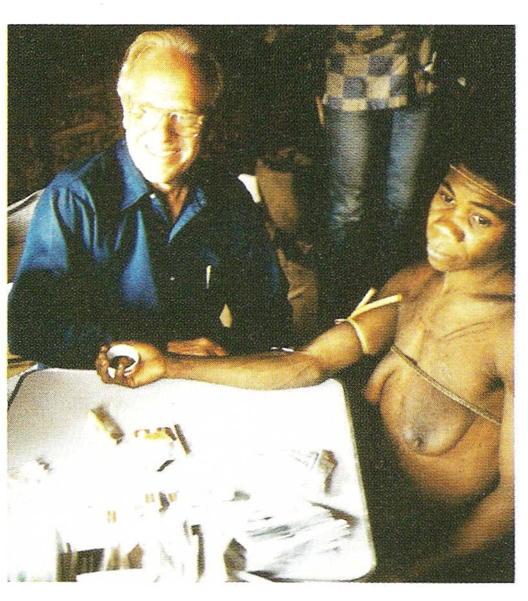
El siguiente paso es más difícil de establecer, pues depende del momento en que imaginemos el desgajamiento de los humanos modernos del tronco homínido. En cualquier caso, está claro que ya había ocurrido cuando los humanos se dispersaron desde Asia hacia América, acontecimiento que ocurrió cuando el estrecho de Bering estaba seco y la suavidad del clima posibilitaba el avance por tierra. La colonización de Australia y las islas del Pacífico hubo de producirse también en fecha reciente, una vez dominada la navegación en mar abierto.

Por lo que sabemos, Australia la colonizaron emigrantes del sureste asiático hace unos 40.000, si no 10.000 o 20.000 años antes. Los arqueólogos andan divididos sobre la llegada a un continente americano. Con todo, los primeros signos convincentes de la presencia humana en Alaska se remontan a unos 15.000 años. Parece que hay dataciones anteriores en algunos sitios de América del Sur. Las estimaciones oscilan, pues, entre 15.000 y 35.000 años. Nuestros datos de genética nuclear abonan un asentamiento cuyos inicios se fecharían hará unos 30.000 años.

Europa, barrida en varias oleadas migratorias, conserva todavía vestigios de los primeros enclaves. En 1954 Arthur E. Mourant, del laboratorio de genética de poblaciones del Consejo de Investigaciones Médicas de Londres y adelantado de la geografía genética, ideaba una estratagema ingeniosa para resolver el rompecabezas. Según su hipótesis, los vascos (población del norte de España y del suroeste de Francia) son los habitantes más antiguos de Europa, y han conservado algo de su constitución genética primitiva, a pesar de su cruzamiento con sucesivos inmigrantes. La teoría se apoya en datos sobre el Rh negativo: los vascos tienen una frecuencia mayor de ese gen que cualquier otra población. Los trabajos con otros genes confirman la hipótesis, lo mismo que el estudio de las hondas diferencias lingüísticas entre el vascuence y la lengua de sus vecinos.

El análisis reciente de la variación génica que se observa de una punta a otra de Europa invitó a crear un modelo del posible curso seguido por la colonización europea. De acuerdo con el guión propuesto, los agricultores del Neolítico llevaron sus genes, cultura y lenguas indoeuropeas de Oriente Medio a Europa en un proceso de expansión lenta. Como los antepasados de los vascos vivieron en el otro extremo de la corriente migratoria, es probable que el grado de mezcla genética con los agricultores fuese mínima.

No podemos olvidar que sólo hallaremos patrones de asentamientos que reflejen emigraciones exitosas. También habría otras que fracasaron. En América, por tomar un ejemplo reciente, se sabe que los vikingos llevaron a cabo colonizaciones cortas, pero se desconoce su posible contribución al acervo génico del lugar.



4. MUESTRA GENETICA extraída de un pigmeo africano de la tribu de Aka, que aparece con el autor del artículo.

Vayamos con nuestro tercer descubrimiento importante: la sorprendente correlación entre distribución de genes y distribución de lenguas. Llegamos, en efecto, a la conclusión de que, en ciertos casos, una lengua o familia de lenguas servía para identificar una población genética. Tenemos un ejemplo notable en las casi 400 lenguas de la familia bantú de Africa central y del sur, lenguas estrechamente emparentadas entre sí, que, además, se corresponden con las fronteras tribales y las afiliaciones genéticas entre tribus. Los fundamentos lingüísticos que sustentan este caso ya habían sido avanzados en los años cincuenta por Joseph H. Greenberg, de Stanford.

Greenberg sostenía, y lo acepta hoy la mayoría, que las lenguas bantúes descendían de una lengua común o de un grupo de dialectos emparentados que hablaban los antiguos agricultores del este de Nigeria y Camerún. Con la expansión de los campesinos hacia el centro y sur de Africa, hace al menos 3000 años, sus lenguas se diversificaron, pero no hasta el punto de velar su origen común. La explicación es aplicable a los genes de esas poblaciones; y así, el bantú —en su origen una categoría lingüística— se emplea ahora para designar un conjunto de poblaciones que comparten una base lingüística y genética.

En 1988 publicamos un árbol filogenético de 42 poblaciones con sus parentescos lingüísticos respectivos. El árbol demuestra que el agrupamiento genético de las poblaciones se superpone sin rechinar al agrupamiento por lenguas. Con muy pocas excepciones, las familias lingüísticas parecen tener un origen bastante reciente en nuestro árbol genético. Añádase a ello la labor de dos grupos de lingüistas, que han creado categorías lingüísticas superiores ("superfamilias") con unos resultados paralelos a los obtenidos en el rastreo genético, de índole obviamente distinta. Por no mencionar la excitación que nos producía haber confirmado una conjetura de Charles Darwin, quien en el capítulo 14 de su libro *Sobre el origen de las especies mediante selección natural* señalaba que, si se conociese el árbol de la evolución genética, se podría predecir el de la evolución lingüística.

¿Por qué van de la mano la evolución genética y la lingüística? No se vea detrás ningún determinismo genético; la respuesta está en la historia: los genes no controlan el lenguaje, sino que son las circunstancias del nacimiento las que determinan la lengua con la que uno se las va a haber. Las diferencias lingüísticas podrían levantar o reforzar barreras genéticas entre las poblaciones, pero no es probable que sean el motor de la correlación. La evolución humana está plagada de fragmentaciones de las poblaciones en grupos, algunos de los cuales se asientan en otras partes. Cada fragmento desarrolla patrones lingüísticos y genéticos que llevan la huella de un punto de ramificación común. Por tanto, alguna correlación es inevitable.

Se puede objetar que las separaciones totales, como las que se establecen cuando un grupo disidente emigra a un nuevo continente, deben ser raras. Pero no se necesitan océanos ni cordilleras para dividir las poblaciones: bas-

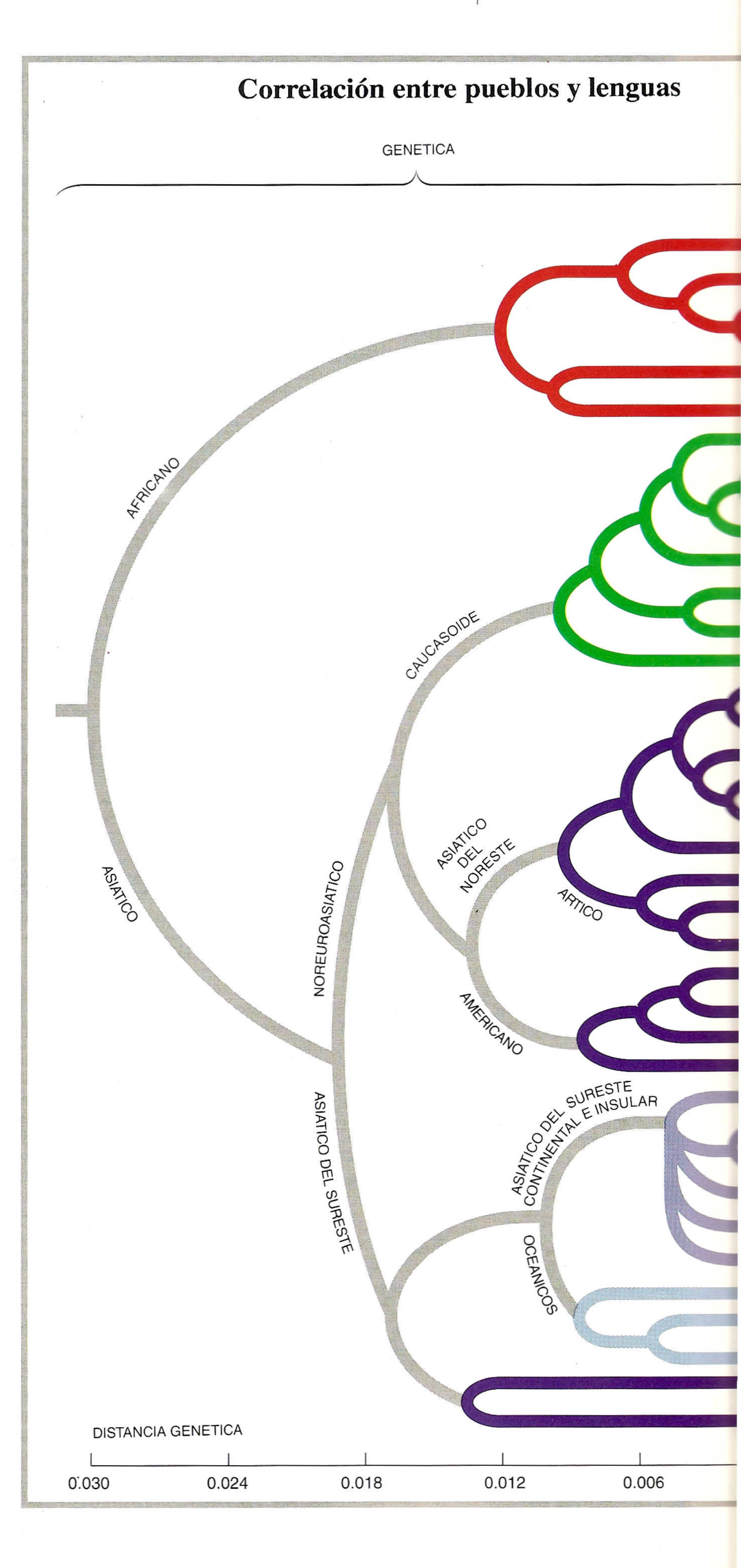
ta con la distancia, como demuestran los estudios genéticos en muchas especies. Como los intercambios demográficos suelen ser más habituales en las distancias cortas, uno espera y encuentra un mayor grado de disparidad genética conforme se dilata la lejanía entre dos subgrupos. Lo mismo ocurre con las lenguas. Sin barreras especiales, las variaciones lingüísticas y genéticas tienden a ser continuas; la discontinuidad aparecerá (en la genética y en la lengua) si se levanta algún obstáculo contra el flujo libre de personas o poblaciones.

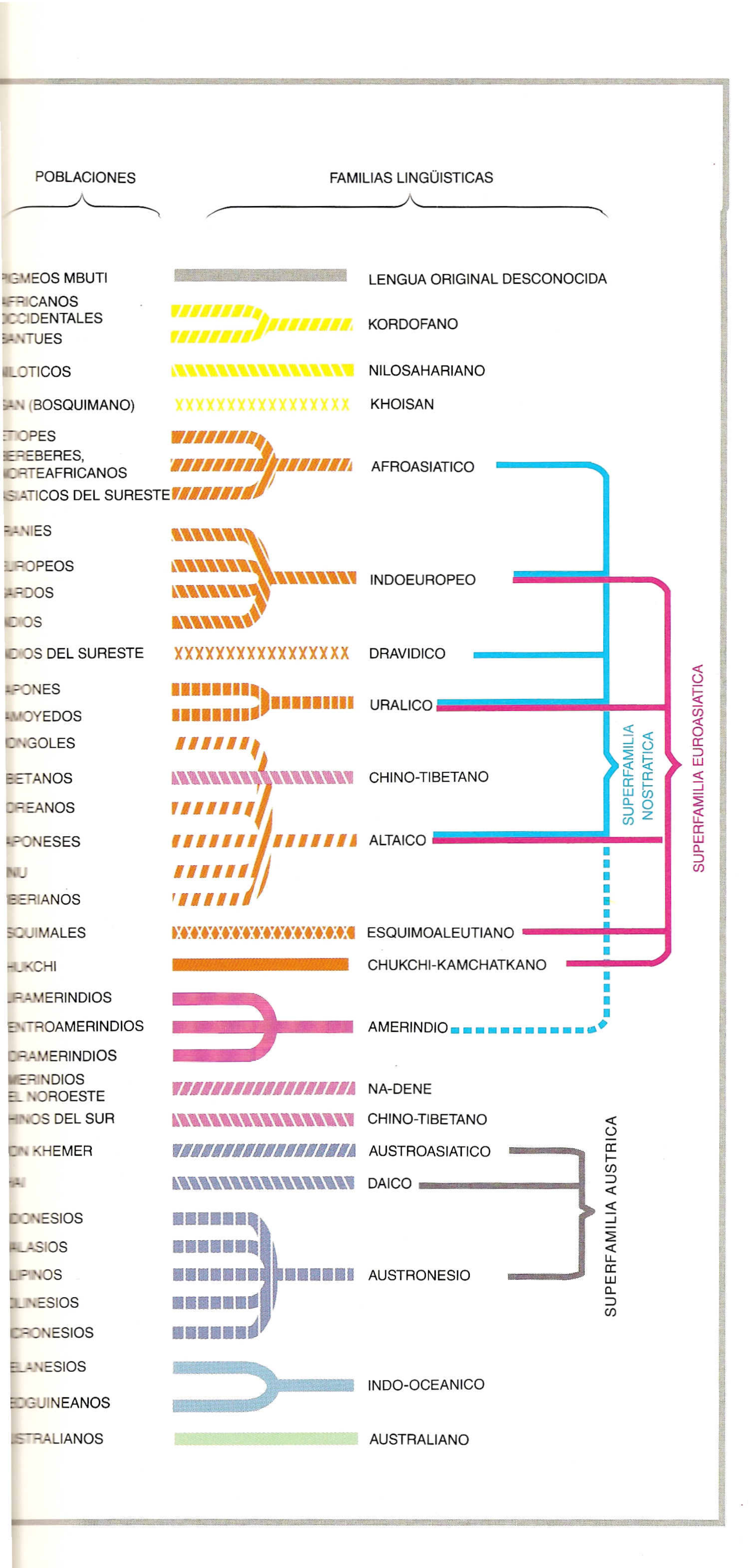
Nuestra regla de la correspondencia entre genes y lenguas presenta dos tipos de excepciones: cuando se produce sustitución de lengua y cuando se da sustitución de genes. El primer caso ocurre cuando la gente abandona su lengua ancestral por otra, la de los inmigrantes, conquistadores o élite cultural. No es fenómeno habitual y su probabilidad es menor si la lengua nueva procede de una familia diferente. El vascuence es un caso extremo de reliquia lingüística que ha logrado sobrevivir a miles de años de continuos cambios en las regiones vecinas.

La sustitución de genes, normalmente parcial, acontece con la mezcla de dos poblaciones. La mezcla puede ser gradual y afectar entonces a las frecuencias relativas de todos los genes en la misma proporción. Este gradualismo es nota discriminante entre genes y lenguas, que pueden o no ser sustituidas. La lengua conserva su integridad ancestral aun cuando incorpore muchas palabras de otra familia o subfamilia lingüística. Los lingüistas coinciden, por ejemplo, en que el inglés sigue siendo un miembro de la subfamilia germánica a pesar de las aportaciones del francés, el griego y el latín. Lo que importa es que la estructura y el vocabulario básico conserven las características de la familia.

Esta diferencia significa que, cuando una minoría conquista a una mayoría y le impone su lengua, la sustitución del idioma es casi absoluta, en tanto que la sustitución génica es proporcional a la razón demográfica. Los húngaros, por ejemplo, hablan una lengua originaria de los Urales (que dividen Europa y Asia) impuesta por los conquistadores magiares de la Edad Media, pero presentan un patrón genético europeo. No es trabajo fácil detectar restos de genes magiares en la población moderna.

La sustitución génica a gran escala es quizá la más rara. Pero hay un ejemplo, por lo menos: los lapones, o saame, de Escandinavia septentrional.





Su lengua pertenece a la familia urálica, pero su patrón genético sugiere una mezcla entre mongoloides de Siberia y escandinavos, responsables estos últimos de la mayoría de sus genes. La mezcla genética es evidente *también en el cabello y la piel de los* lapones, que varían de muy claro a oscuro. Una situación no muy distinta se presenta en los etíopes, una mezcla genética de africanos y caucásicos de Arabia, con un predominio de los primeros.

Incluso un modesto goteo de genes puede producir grandes efectos si se muestra pertinaz. Ejemplo arquetípico lo tenemos en los afroamericanos, un 30 por ciento de cuyos genes actuales, como media, derivan de antepasados europeos. Esta es la mezcla esperada si del total de las uniones de negros, desde que se instituyó la esclavitud en América, el 5 por ciento de todas ellas se hubieran realizado con europeos, y sus hijos hubiesen sido clasificados como negros. Otros 1000 años con un flujo genético similar acabarían prácticamente con el genoma africano de origen.

Es sorprendente quizá que se conserve ese alto grado de correlación entre lenguas y genes, a pesar de la distorsión provocada por las sustituciones génicas y lingüísticas. En parte eso puede ser reflejo de nuestra concentración en las poblaciones aborígenes. En cualquier caso, otros análisis confirman la existencia de esta correlación microgeográfica, a veces de forma espectacular. Quizás el ejemplo más notable lo represente la fuerte coincidencia entre nuestros análisis de patrones genéticos en los nativos americanos y la reciente clasificación de Greenberg de lenguas del Nuevo Mundo entre familias principales. Aunque los estudios se realizaron con metodologías diferentes, y manejaron datos de contenido muy dispar, los dos prestan sólido apoyo a la existencia de un grupo de migraciones discretas hacia ambos hemisferios americanos.

La explicación última de esta correlación entre genes y cultura debe buscarse en los dos mecanismos de transmisión: horizontal y vertical. Los genes, que se transmiten siempre de padres a hijos, describen una ruta vertical a través de las generaciones. La cultura también puede transmitirse verticalmente de generación en generación, pero a diferencia de los genes admite una transmisión horizontal, entre individuos no emparentados. La moda de temporada, por ejemplo, se presenta en París y se transmite al mundo entero (aunque ahora parece que Italia toma la delantera). En el

mundo moderno la transmisión horizontal cobra cada vez mayor relieve. Pero las sociedades tradicionales se distinguen precisamente por el apego a su cultura —y normalmente su lengua— de generación en generación. Su forma predominantemente vertical de transmisión cultural las hace más conservadoras.

Las sustituciones de genes y lenguas son excepciones engorrosas a nuestra regla. Cada excepción opera de acuerdo con sus propias normas, y así se explica en buena medida la evolución de las poblaciones y lenguas y, por tanto, el desarrollo de la cultura humana. Nuestro trabajo debe completarse con la investigación de tales sustituciones. Los antropólogos deben acostumbrarse a manejar esas herramientas y no dejar escapar una información que se pierde por días. Pruebas de un valor incalculable se nos escapan de las manos cuando poblaciones aborígenes diluyen su identidad. El creciente interés por el Proyecto Genoma Humano podría estimular la búsqueda acumulativa de pruebas de diversidad genética humana antes de que se esfume.

BIBLIOGRAFIA COMPLEMENTARIA

RECONSTRUCTION OF HUMAN EVOLUTION: BRINGING TOGETHER GENETIC, ARCHAEOLOGICAL AND LINGUISTIC DATA. L. Cavalli-Sforza, A. Piazza, P. Menozzi y J. L. Mountain en *Proceedings of the National Academy of Sciences*, vol. 85, n.º 16, págs. 6002-6006; agosto de 1988.

DRIFT, ADMIXTURE AND SELECTION IN HUMAN EVOLUTION: A STUDY WITH DNA POLYMORPHISMS. A. M. Bowcock, J. R. Kidd, J. L. Mountain, J. M. Hebert, L. Carotenuto, K. K. Kidd y L. L. Cavalli-Sforza en *Proceedings of the National Academy of Sciences*, vol. 88, n.º 3, págs. 839-843; 1 de febrero de 1991.